

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

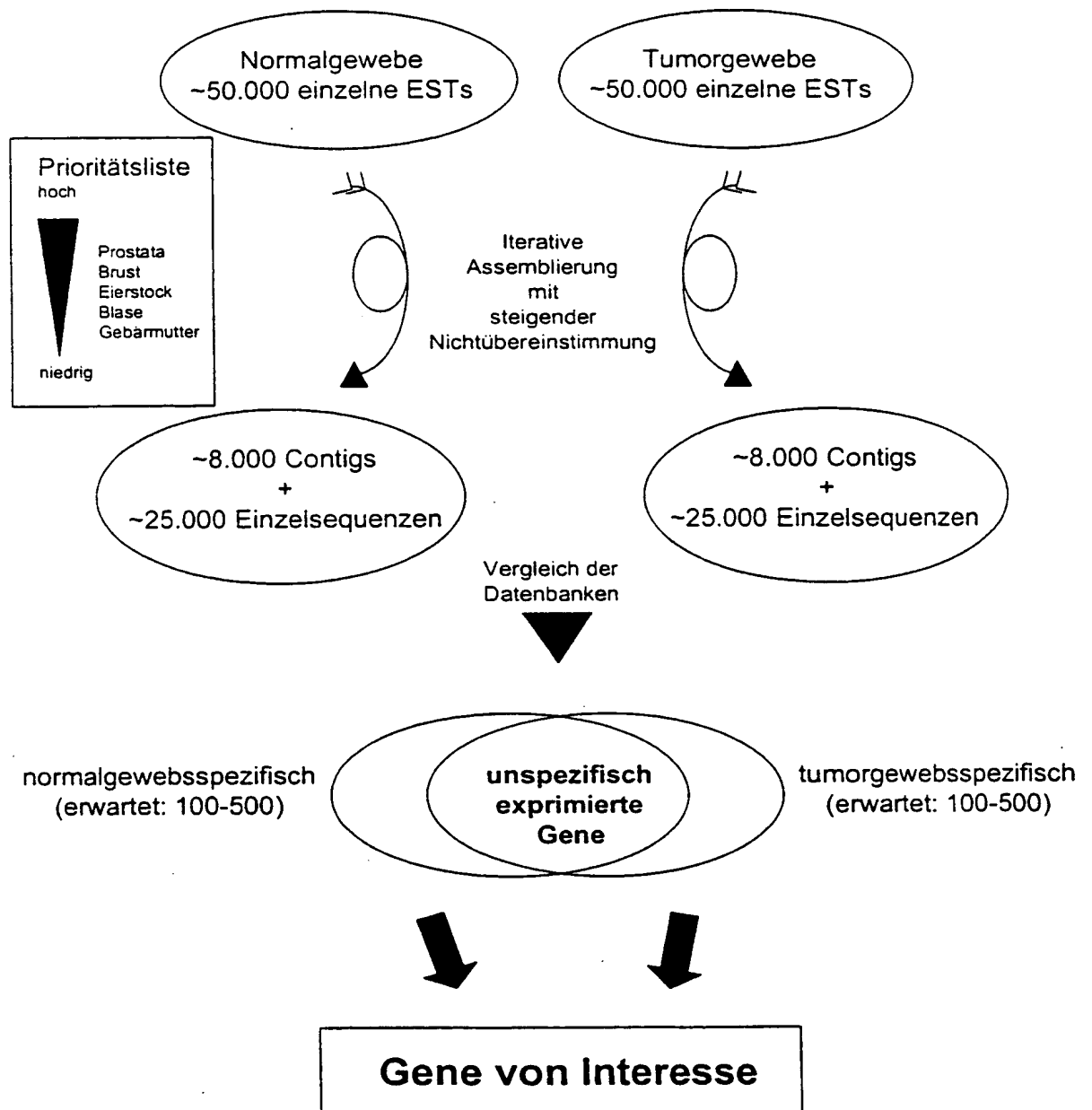


Fig. 1



2/10

# Prinzip der EST-Assemblierung

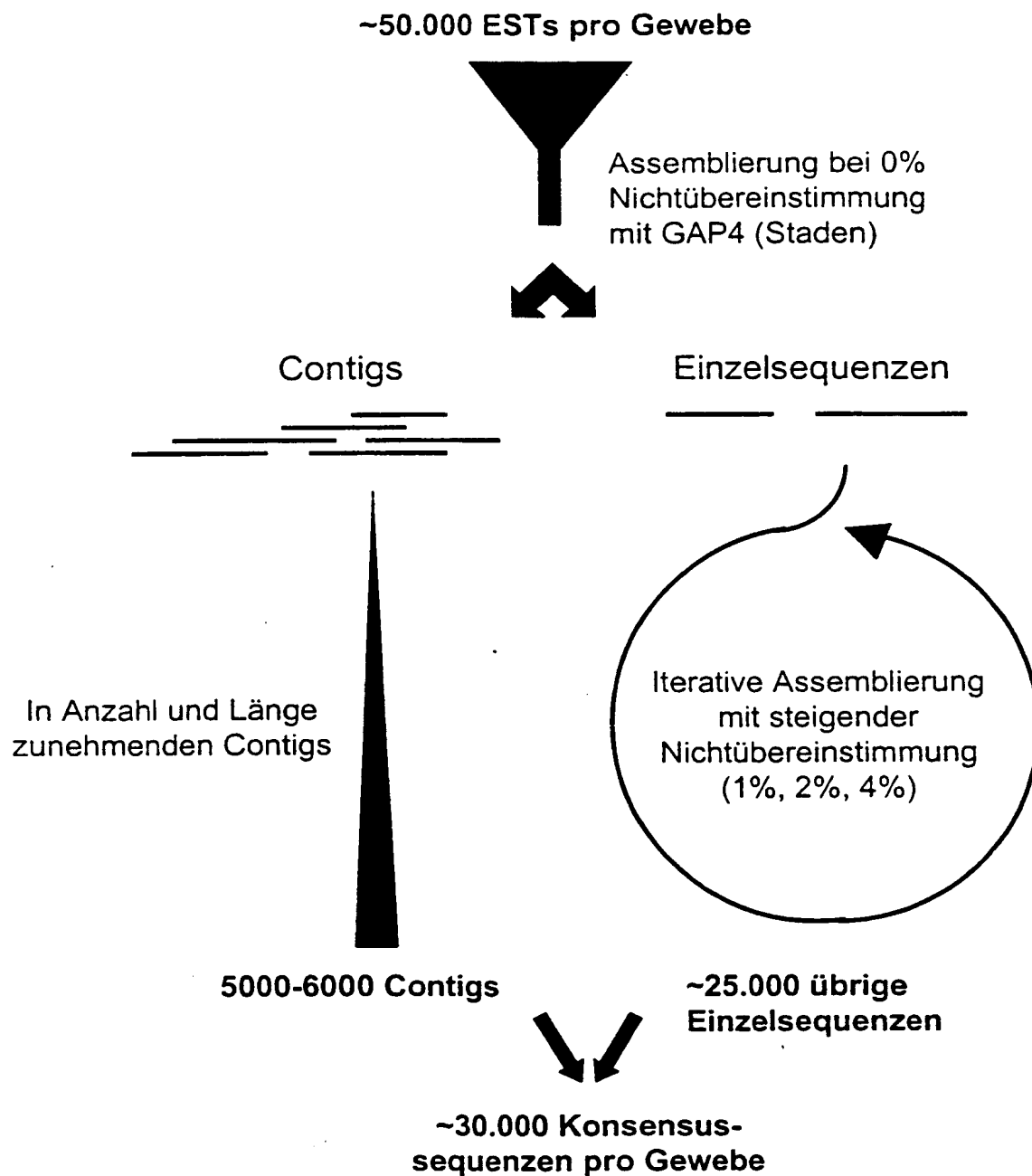


Fig. 2a

3/10

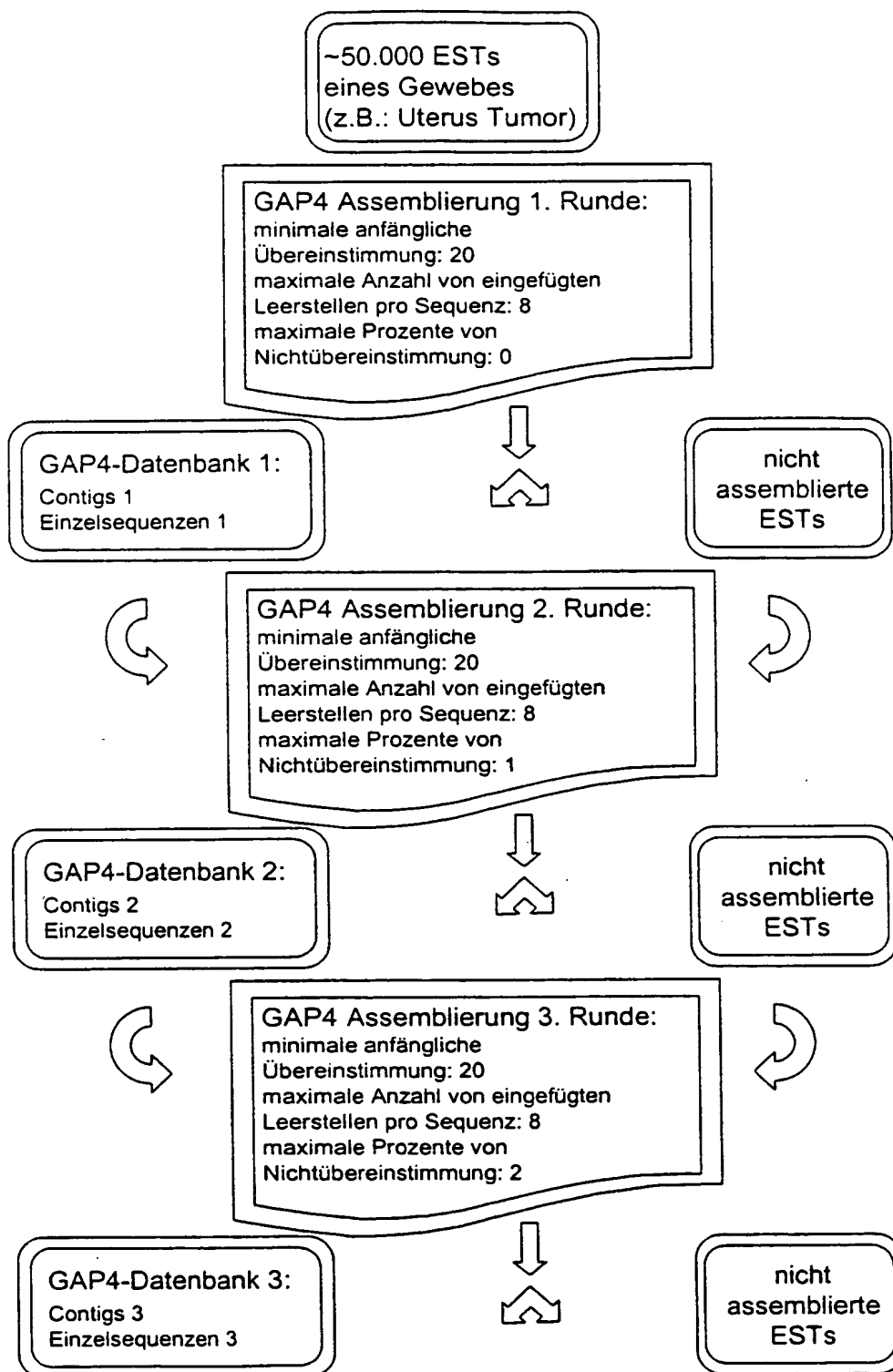


Fig. 2b1

4/10

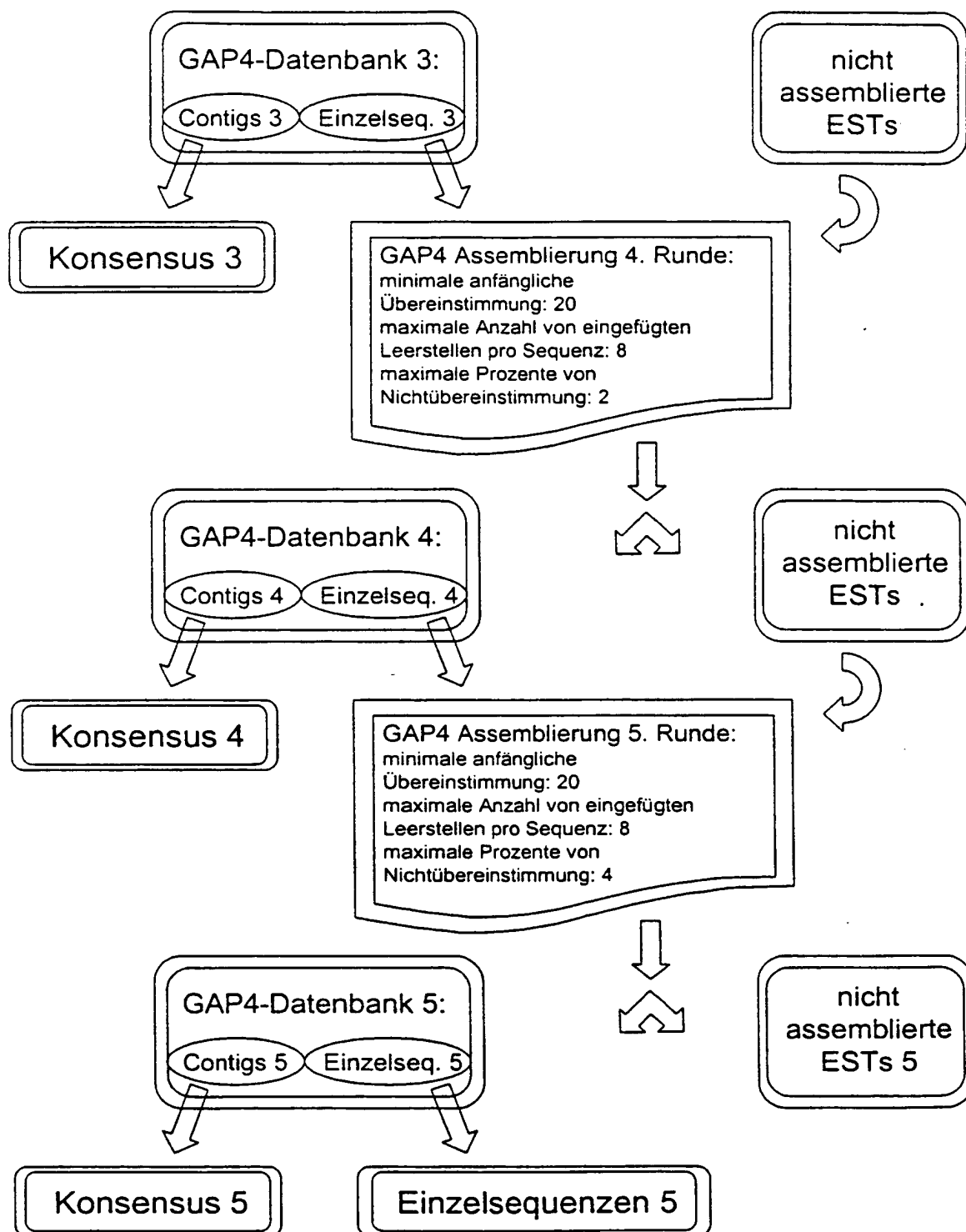


Fig. 2b2

5/10

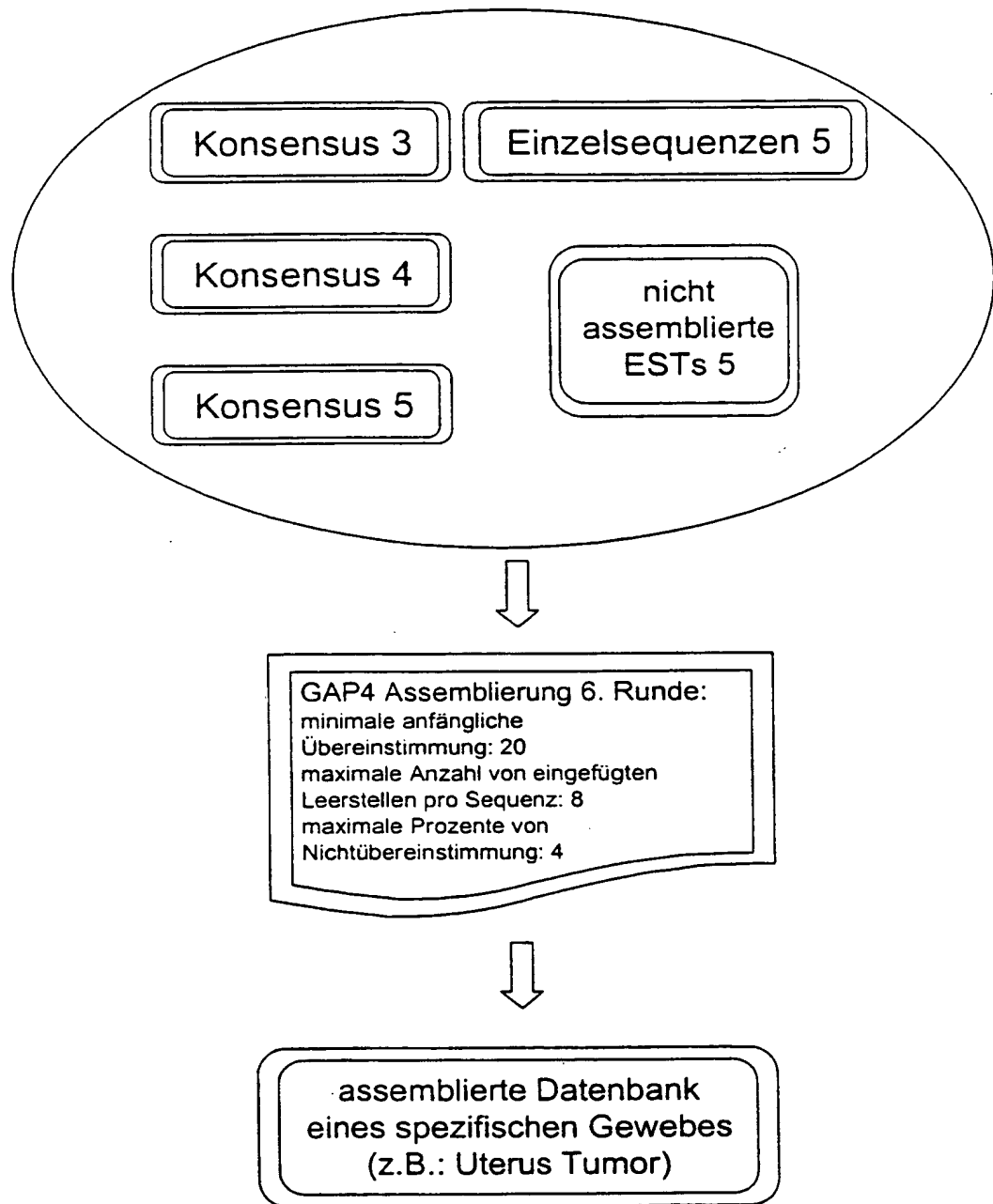


Fig. 2b3

6/10

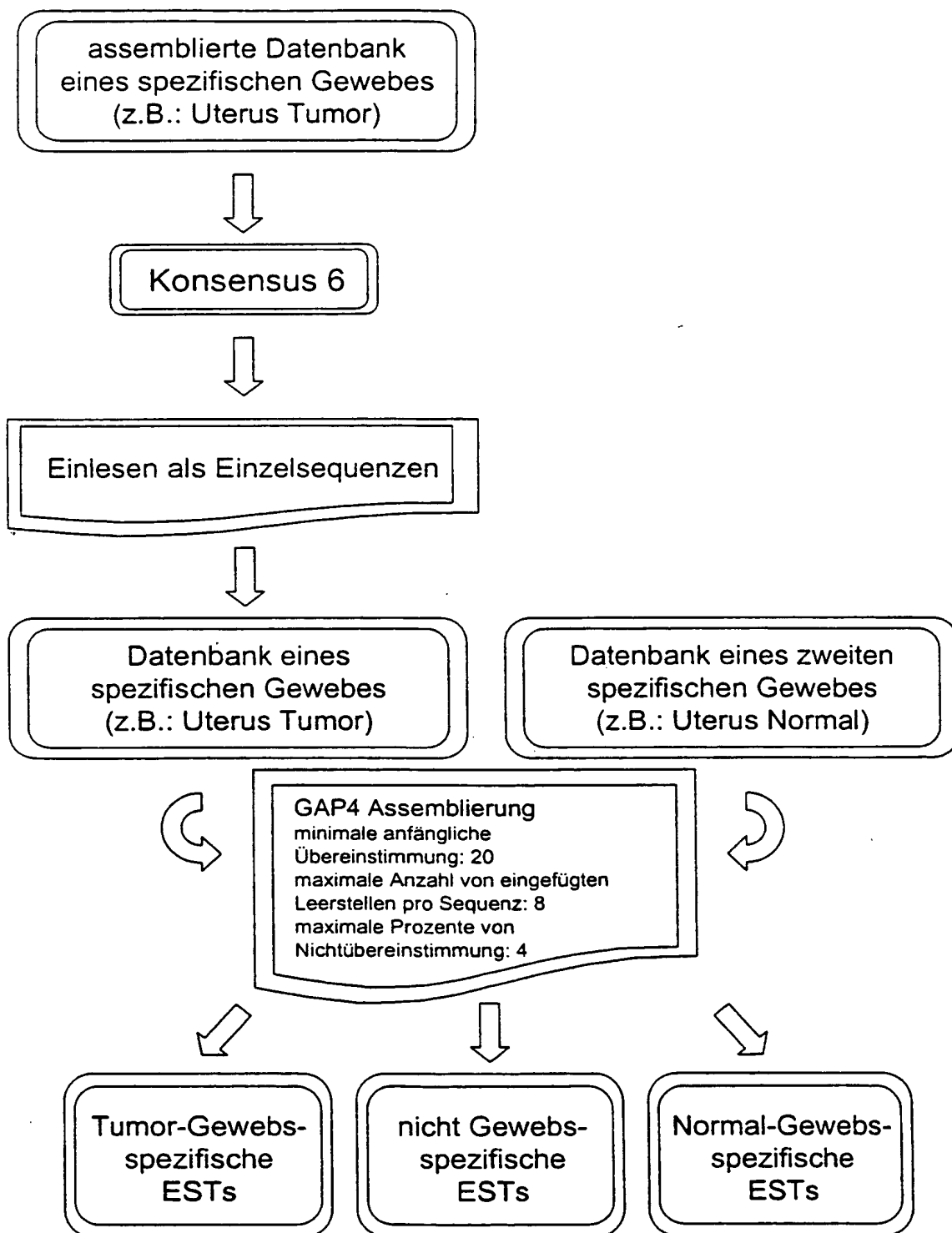
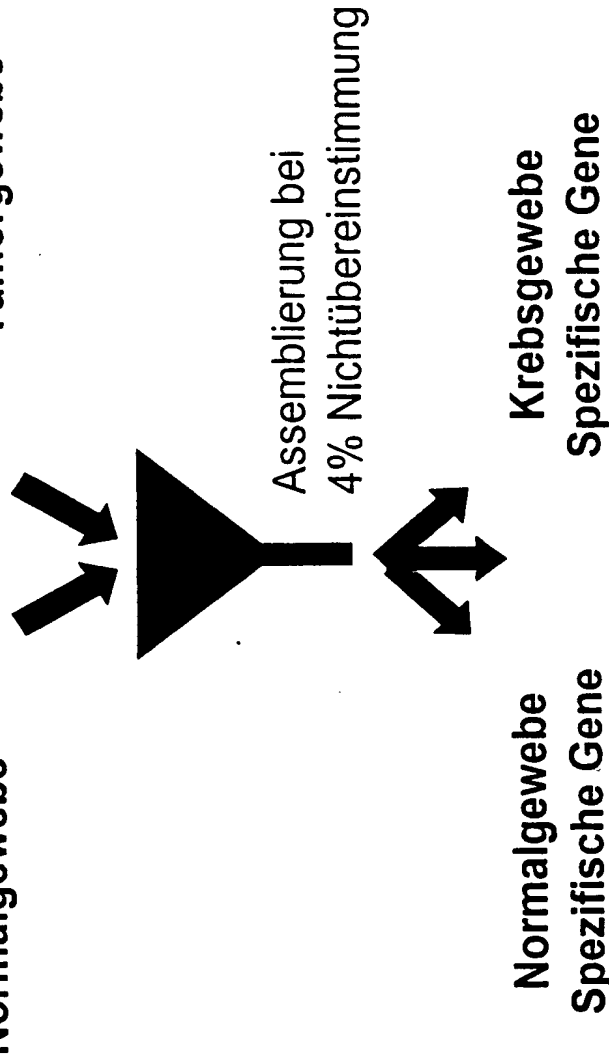


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Tumorgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3



8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
(INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)

Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

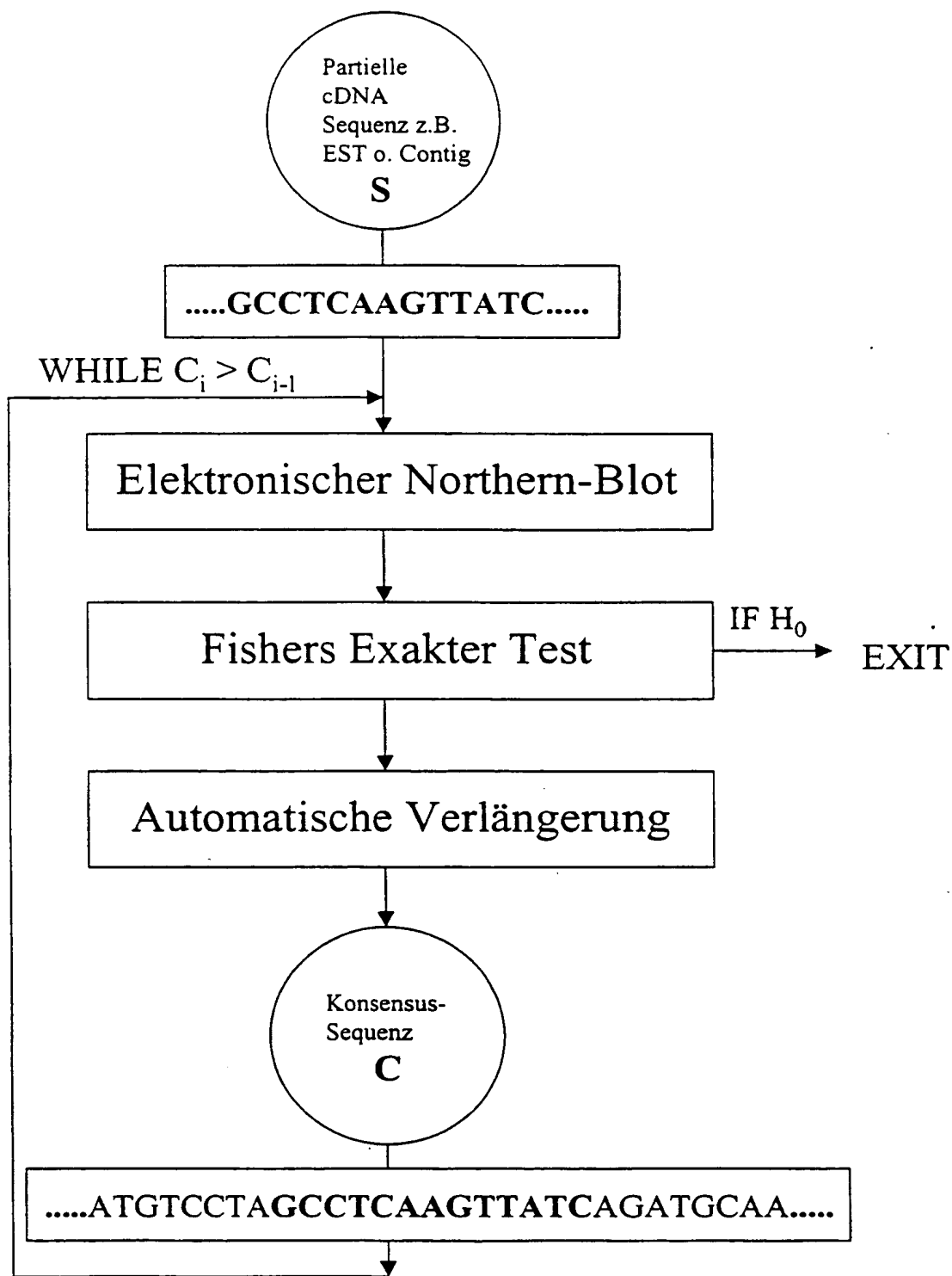


Fig. 4b

10/10

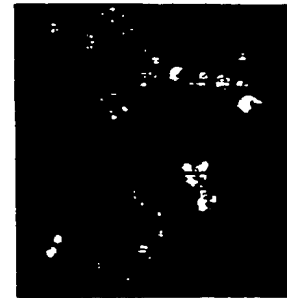
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5